

La datación por racemización de aminoácidos de muestras malacológicas de yacimientos arqueológicos

**José E. Ortiz^a, Yolanda Sánchez-Palencia^a, Igor Gutiérrez-Zugasti^b, Trinidad Torres^a,
Manuel González-Morales^b**

^aLaboratorio de Estratigrafía Biomolecular, E.T.S.I. Minas y Energía, Universidad Politécnica de Madrid. C/ Ríos Rosas 21, Madrid 28003. Tel. 913366970; Email: joseeugenio.ortiz@upm.es

^bInstituto Internacional de Investigaciones Prehistóricas de Cantabria. Universidad de Cantabria. Ed. Interfacultativo, Avda de los Castros s/n 39005 Santander

La racemización de aminoácidos como herramienta geocronológica se ha revelado como un excelente método para poder datar yacimientos arqueológicos empleando tanto restos óseos como moluscos. Dada la escasa cantidad de material necesaria y el bajo coste analítico, presenta una serie de ventajas sobre otros métodos como el carbono-14 ya que para datar un nivel se emplean varias muestras lo que, entre otras cuestiones, permite identificar resultados anómalos así como aproximarse al *time-average* de un yacimiento. Por el contrario, las edades suelen presentar una desviación estándar más alta (10-20%) ya que en la racemización de aminoácidos influyen procesos ligados a la taxonomía (a nivel de género), intra-concha, y tafonómicos. En este sentido es importante conocer todos los procesos diagenéticos que afectan al material objeto de estudio para poder tener dataciones fiables. En este trabajo se presentan los resultados del análisis de conchas del género *Patella* recogidas en diversos

yacimientos de la cornisa cantábrica de edades comprendidas entre el ca. 30 ka BP y ca. 5 ka BP, comparándolas con actuales.

Se observa que la degradación mayoritaria de las proteínas tuvo lugar en los primeros 5.000 años tras la muerte del animal, ya que hay un marcado descenso de contenido total de aminoácidos, que se mantiene en valores similares en yacimientos del Mesolítico y más antiguos. El porcentaje del contenido de cada aminoácido en las proteínas varía con la edad, observándose un incremento significativo de la proporción del ácido aspártico, que pasa a ser del 40% en las actuales al 65% en las de 30 ka BP.

Dado que la racemización de aminoácidos es un proceso que depende de la temperatura, se explica el hecho de que muestras de yacimientos del Solutrense y Magdalenense inferior (correspondientes al Último Máximo Glaciar), presentan valores D/L del ácido aspártico en *Patella* similares a niveles más recientes (Magdalenense medio y superior), ya que la degradación de las proteínas se ralentizaría en el período comprendido entre 22 y 14 ka BP por las bajas temperaturas.

Esto se observa en el estudio de muestras de la cueva de La Riera, con una estratigrafía continua desde el Solutrense al Mesolítico, y con similares condiciones tafonómicas en la que las edades de los niveles del Solutrense están “rejuvenecidas” frente a las del resto del registro en los que las edades son coherentes con las del carbono-14.